



Planification d'expérience RADseq : approche par simulation.

Olivier Lepais

► To cite this version:

Olivier Lepais. Planification d'expérience RADseq : approche par simulation.. Approches RADseq pour l'étude de la biodiversité, Groupement de Recherche Génomique Environnementale (GDR3692). FRA., Nov 2016, Paris, France. hal-02799371

HAL Id: hal-02799371

<https://hal.inrae.fr/hal-02799371>

Submitted on 5 Jun 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

10h00-10h15: Accueil Auditorium de la Grande Galerie de l'évolution

Session 1 : Approches RAD, méthodologie

10h15-10h40 Régis Débruyne Portrait de famille du RADseq: cohérence globale et singularités.

10h40-11h05 Olivier Lepais Planification d'expérience RADseq : approche par simulation.

11h05-11h20 Sylvain Charlat How and how much does RAD-seq bias genetic diversity estimates?

11h20-11h45 Stéphanie Mariette How much can we trust in in silico detected RADseq loci and SNPs?

11h45-12h05 : PAUSE CAFE

Session 2 : Génomique des populations, adaptation

12h05-12h30 Pierre-Alexandre Gagnaire Histoire évolutive de la divergence éco-phénotypique parallèle entre paires d'écotypes d'une même espèce.

12h30-12h55 Charles Perrier RAD-sequencing to investigate population genomics, selection footprints and architecture of heritable traits in great and blue tits in heterogeneous habitats.

12h55-13h20 Nadir Alvarez HyRAD: un nouvel horizon génomique pour l'étude de l'ADN historique et ancien, combinant RAD sequencing et capture par hybridation.

13h20-14h30 : DEJEUNER (Cantine MNHN)

Session 3 : Phylogénomique

14h30-14h55 Gontran Sonet Phylogénie et délimitation d'espèces du complexe d'escargots terrestres *Pyramidula* par l'analyse de données RADseq.

14h55-15h10 Carole Kerdelhué Différentiation allochronique d'une population de processionnaire du pin à cycle décalé: contexte phylogénétique et histoire démographique révélés à l'aide de marqueurs RADseq.

15h10-15h25 Charles Pouchon Apport et Comparaison de données génomiques issues de NGS (Shotgun vs ddRADseq) dans l'inférence phylogénétique chez les Rosettes Géantes des paramos.

15h25-15h40 Amélia Viricel Should we pursue RAD sequencing for phylogenomics? A review of the literature.

15h40-16h10 : PAUSE CAFE

Session 4 : Hybridation

16h10-16h35 Thibaut Capblancq Hybridation et diversification chez des papillons alpins.

16h35-16h50 Claire Daguin Thiebaut Développement d'outils génomiques RADseq pour l'étude des flux de gènes intra- et interspécifiques chez les espèces marines.

16h50-17h05 Jean-Yves Rasplus When recurrent hybridization obscures phylogenetic hypotheses, the case of *Chrysocarabus* beetles.

17h05-17h15 : Mots de clôture GDR et MNHN

17h15 : FIN